

Titre du sujet : Visualisation de réconciliation d'arbres de gènes en phylogénomique

Encadrant.e.s : Vincent Lefort et Anne-Muriel Arigon (MAB, LIRMM)

Laboratoire/Équipes : LIRMM, équipe MAB à Montpellier (<https://www.lirmm.fr/equipes/MAB/>)

Contacts : vincent.lefort@lirmm.fr et arigon@lirmm.fr

Mots clefs : application web, phylogénomique, réconciliation

Résumé : (10 à 20 lignes avec des objectifs clairement définis)

Alors que la phylogénie s'attache à étudier l'évolution à partir de quelques gènes, la phylogénomique constitue un domaine émergent dont l'ambition est d'étudier l'évolution au niveau génomique. Ceci consiste par exemple à inférer des arbres phylogénétiques d'espèces sur la base de génomes complets, ou bien à expliquer comment les histoires évolutives des familles de gènes s'intègrent dans l'évolution des espèces (réconciliations). Ce changement d'échelle au niveau du volume des données implique d'utiliser de nouvelles méthodes permettant de réaliser des analyses à partir de milliers de gènes (représentant des millions de sites) pour chaque espèce considérée.

Une application web dédiée aux analyses phylogénomiques (Phylogenomics.fr) est en cours de développement sur la plateforme ATGC de l'équipe MAB du LIRMM. Cette application met en œuvre un ensemble de services permettant aux utilisateurs biologistes de définir des analyses phylogénomiques complexes et notamment d'effectuer des réconciliations entre arbres de gènes et arbres d'espèces et de les visualiser. C'est dans cette dernière thématique que le stage s'inscrit.

Le stage consistera donc à :

- s'initier et comprendre les méthodes de réconciliation existantes [1],
- faire un état de l'art des méthodes et applications de représentation de ces réconciliations (notamment Thirdkind [2]) ainsi que des formats possibles (notamment RecPhyloXML [3]),
- intégrer une application de visualisation de réconciliation à l'application web d'analyse phylogénomique (Phylogenomics.fr)

Bibliographie

[1] Menet H, Daubin V, Tannier E (2022). Phylogenetic reconciliation. *PLoS Comput Biol* 18(11): e1010621.

[2] Simon Penel, Hugo Menet, Théo Tricou, Vincent Daubin, Eric Tannier, Thirdkind: displaying phylogenetic encounters beyond 2-level reconciliation, *Bioinformatics*, Volume 38, Issue 8, 15 April 2022, Pages 2350–2352

[3] Duchemin, W. et al. (2018) RecPhyloXML: a format for reconciled gene trees. *Bioinformatics*, 34, 3646–3652.